

FIG 1

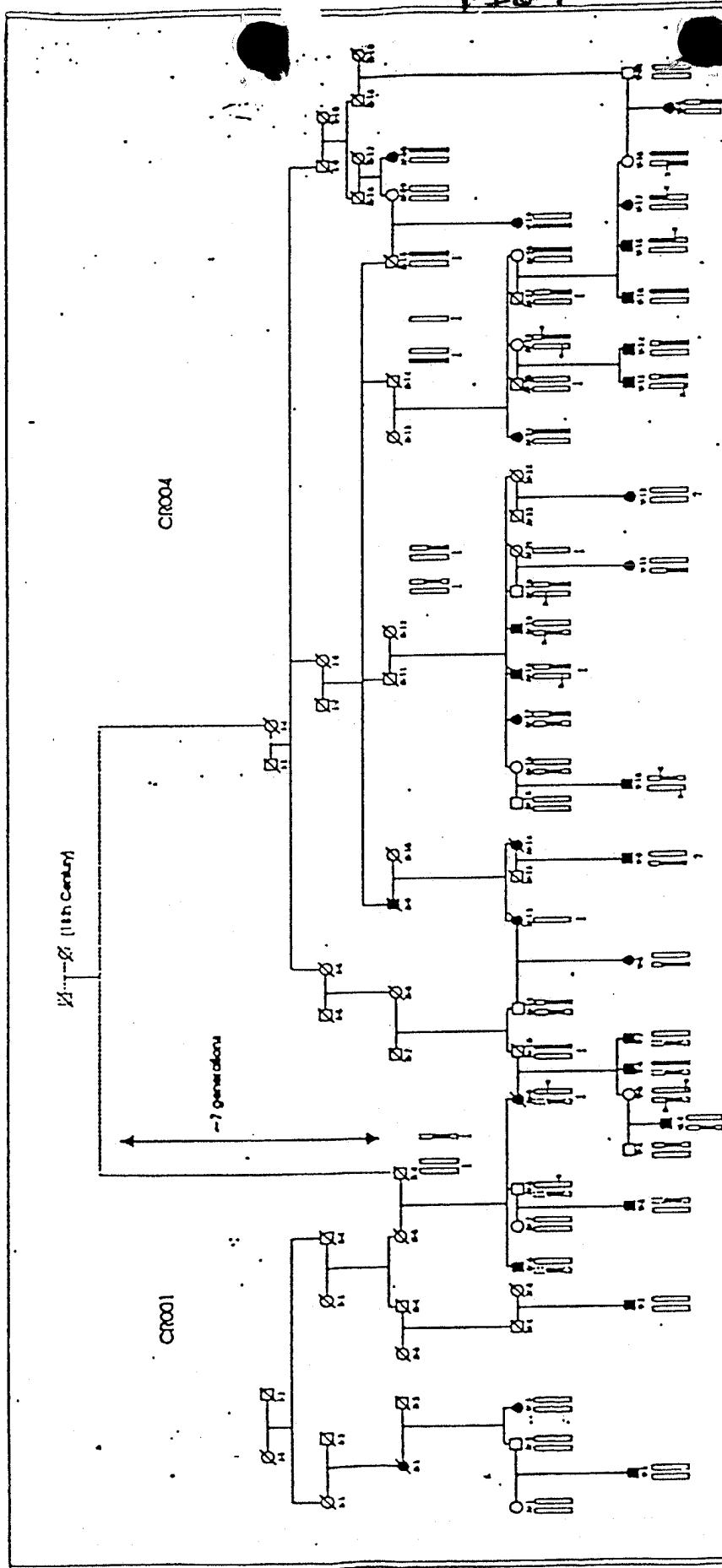


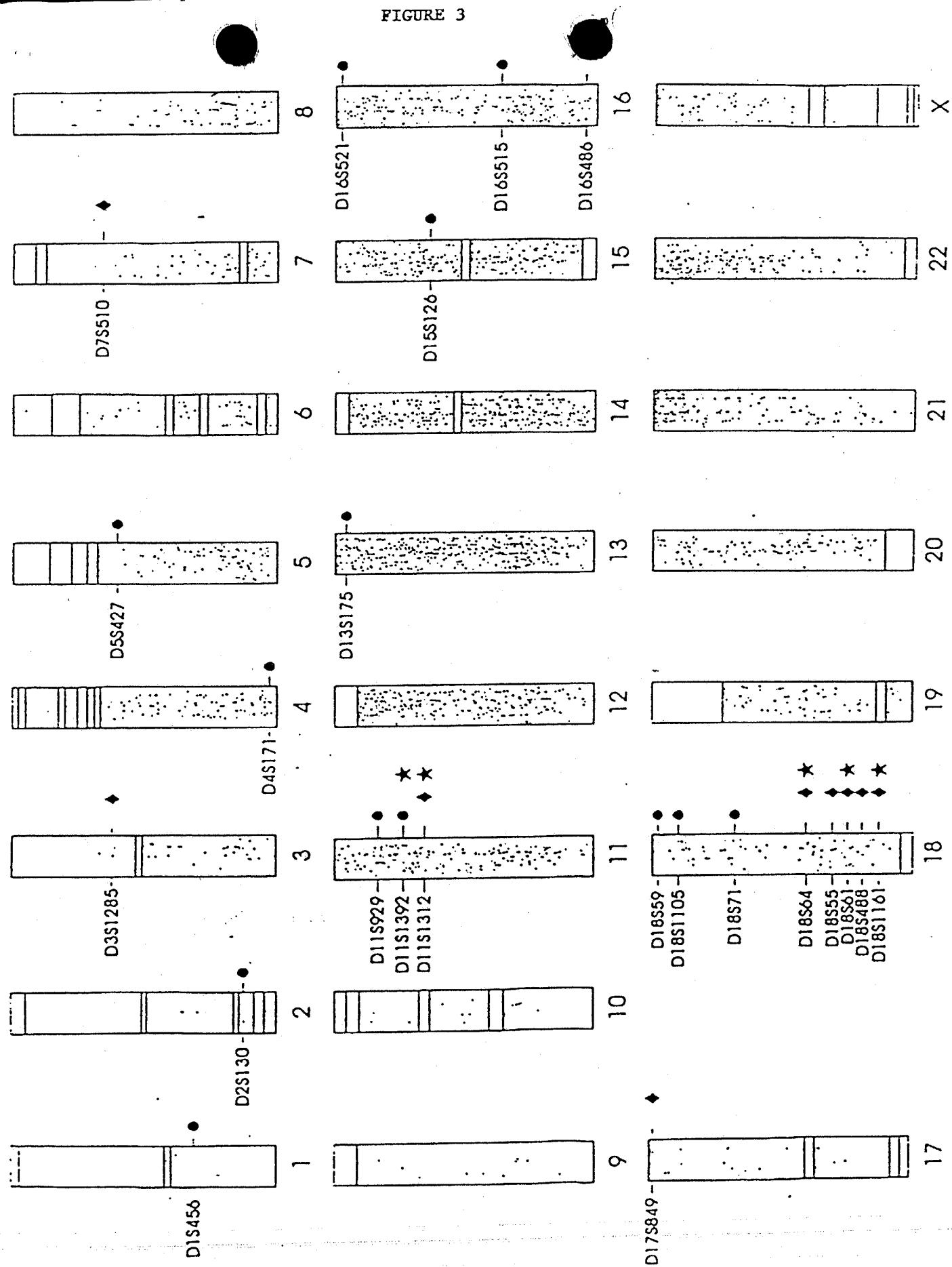
Figure 2

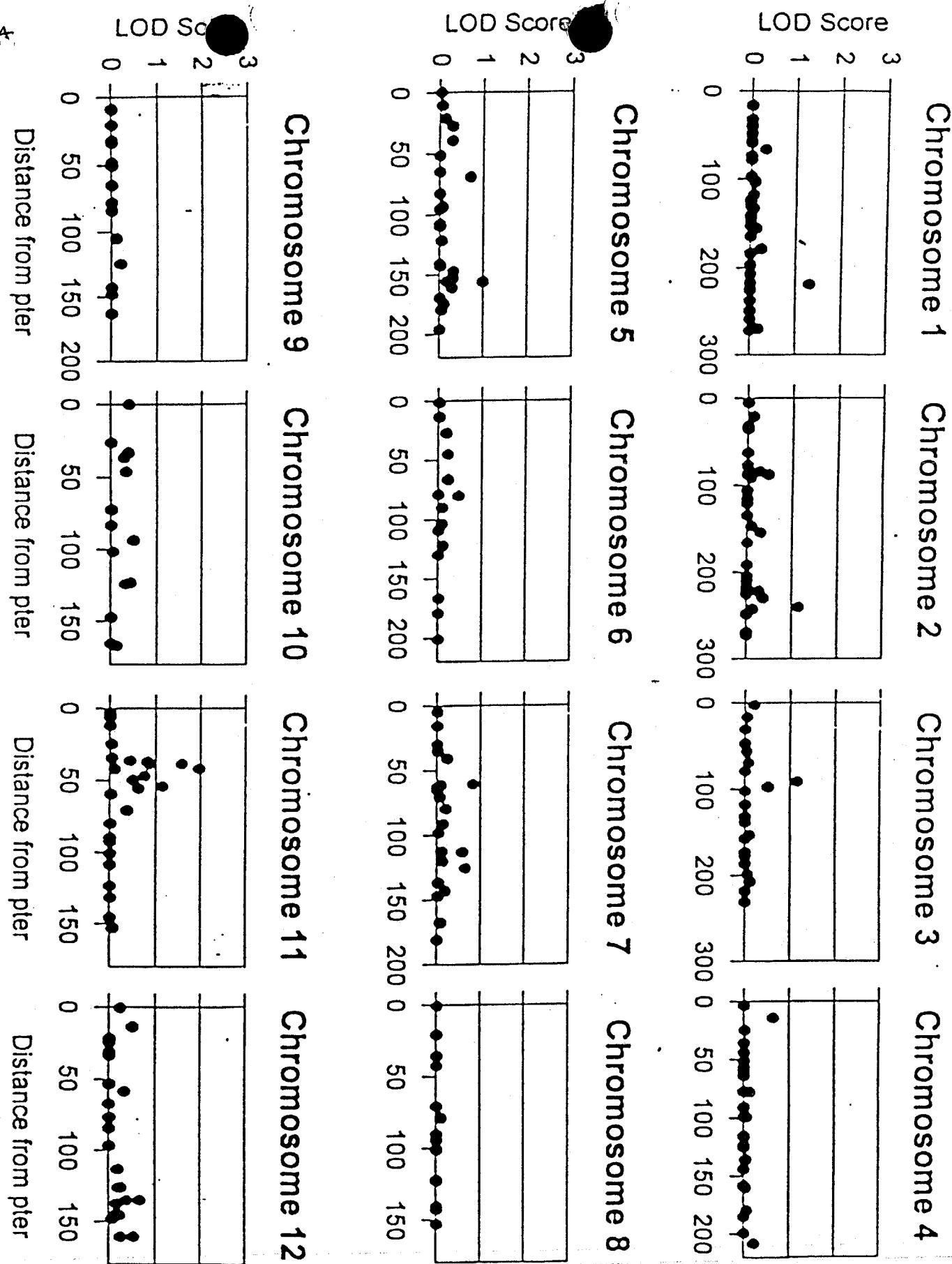
Table 1. Lod scores for markers exceeding the arbitrary coverage thresholds.

Marker Name	distance from pter	Family CR001		Family CR004		Combined	
		Z_{max} ≥ 0.8	Theta	Z_{max} ≥ 1.2	Theta	Z_{max} ≥ 1.6	Theta
<i>D1S456</i>	224.6	1.32	0.0	0.0	0.50	0.0	0.50
<i>D2S130</i>	230.1	0.89	0.0	0.12	0.35	0.36	0.26
<i>D3S1285</i>	91.0	0.00	0.50	2.59	0.00	1.15	0.16
<i>D4S171</i>	207.9	1.07	0.07	0.01	0.05	0.22	0.29
<i>D5S427</i>	69.6	1.39	0.0	0.0	0.50	0.7	0.18
<i>D7S510</i>	60.5	0.04	0.40	2.04	0.0	0.82	0.17
<i>D11S929</i>	36.3	0.80	0.11	0.03	0.42	0.43	0.24
<i>D11S1392</i>	38.6	0.86	0.07	0.90	0.23	1.58	0.19
<i>D11S1312</i>	42.0	0.47	0.13	1.77	0.0	1.95	0.05
<i>D13S175</i>	7.4	0.83	0.0	0.0	0.50	0.24	0.15
<i>D15S126</i>	45.5	1.09	0.0	0.0	0.48	0.06	0.40
<i>D16S521</i>	4.6	1.46	0.0	0.41	0.26	1.18	0.17
<i>D16S515</i>	94.8	0.93	0.09	0.01	0.46	0.39	0.25
<i>D16S486</i>	133.6	0.27	0.19	1.29	0.20	1.60	0.20
<i>D17S849</i>	0.60	0.0	0.50	1.22	0.07	0.32	0.14
<i>D18S59</i>	1.1	1.43	0.0	0.0	0.50	0.02	0.46
<i>D18S1105</i>	2.8	0.97	0.0	0.01	0.47	0.01	0.46
<i>D18S71</i>	43.8	0.96	0.0	0.0	0.50	0.0	0.50
<i>D18S64</i>	84.0	0.33	0.11	1.34	0.15	1.67	0.13
<i>D18S55</i>	95.5	0.0	0.50	2.09	0.13	1.51	0.18
<i>D18S61</i>	103.8	0.0	0.50	2.26	0.12	1.94	0.16
<i>D18S488</i>	105.6	0.0	0.50	1.26	0.14	1.02	0.19
<i>D18S1161</i>	113.0	0.0	0.50	1.79	0.16	1.76	0.17

Markers for which lod scores exceeded the arbitrary thresholds used for genome coverage calculations (in bold). Z_{max} is the maximum likelihood estimate of the lod score at the corresponding value of the recombination fraction (theta).

FIGURE 3





Chromosome 13 Chromosome 14 Chromosome 15 Chromosome 16

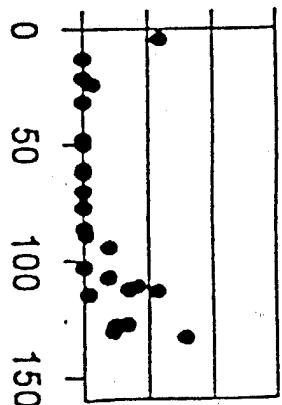
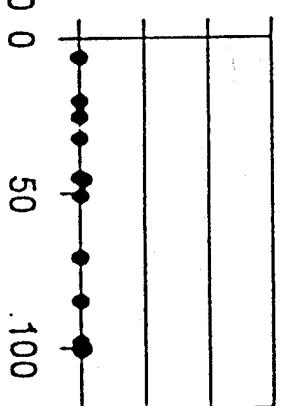
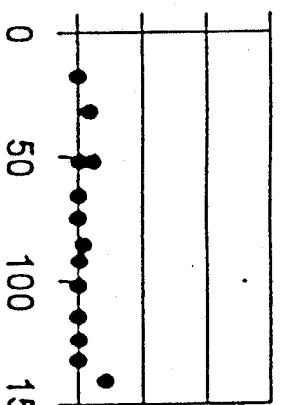
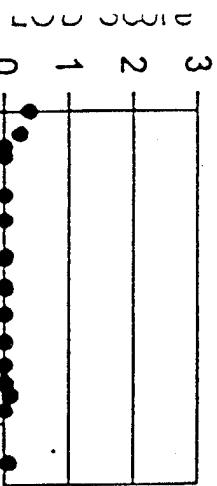
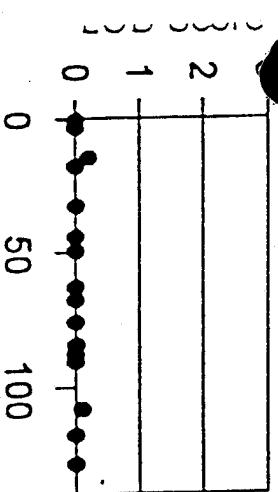
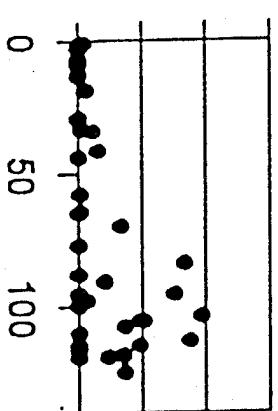


FIGURE 4B

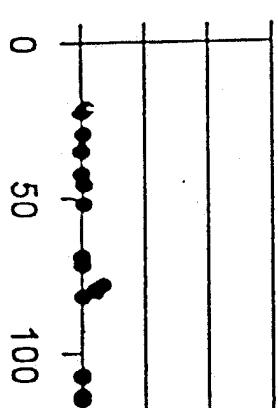
Chromosome 17



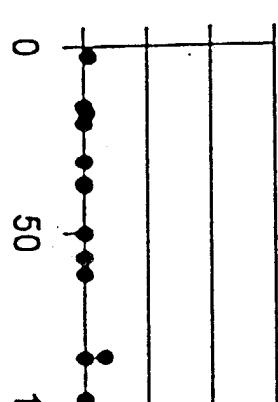
Chromosome 18



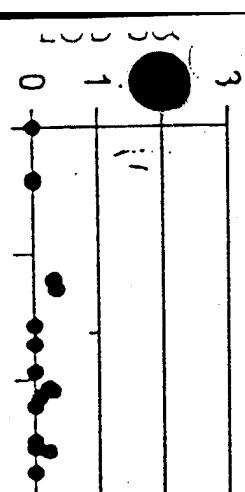
Chromosome 19



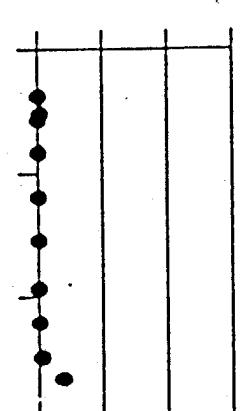
Chromosome 20



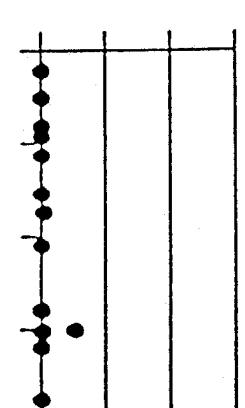
Chromosome 21



Chromosome 22



Chromosome X



Distance from pter

Distance from pter

Distance from pter

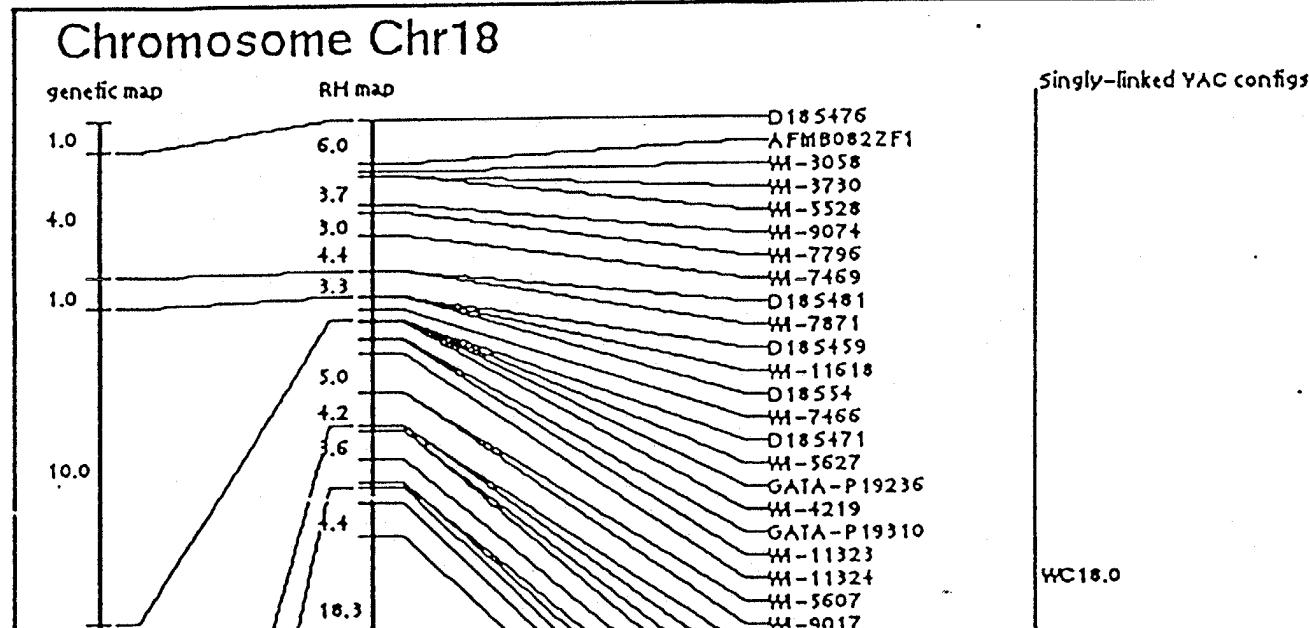
Distance from pter

Figure 4B

FIGURE 5

Chr18: Contigs Anchored on Integrated Map

Be patient... This is a large image!



You can click on the name of an STS or a contig in order to retrieve information about it. [Download this map](#) as a PICT file (Macintosh) or a GIF (everybody else)

NOTES

1. This is a composite map in which the genetic linkage map from Généthon, and the radiation hybrid map from the Whitehead Institute/MIT Center are used to anchor YAC/STS contigs. We only show the subset of genetic- and radiation-hybrid mapped STSs for which positive YACs are present. For the genetic map, please refer to the linkage maps published in *Nature Genetics* 7(2):246-339 (1994) for the complete genetic maps.
2. The apparent size of a contig on this map does not always correlate with the number of its members. Some apparent "large" contigs are artificially expanded because of contradictions between the radiation hybrid map position of one or more markers on the genetic map, and adjacencies computed from YAC linkage. Contigs that appear to overlap may represent places where missing YAC data prevents the contigs from merging, or, in some cases, contradictions between the order derived from the radiation hybrid map and the order derived from the STS content map.
3. The large central gap that appears on many of the radiation hybrid maps corresponds to the centromere.
4. Markers derived from expressed sequence tags (ESTs) or other expressed sequences are colored red.

FIGURE 6A

This STS is part of singly-linked contig WC18.0:

STS	Chrom	Genetic	RH	Map Position		Contig	
				Single	Double	Single	Double
1 <u>WI-9527</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>		
2 <u>CHLC.GGAT2G04</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>		
3 <u>CHLC.GGAT2G04.1217</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>		
4 <u>D18S59</u>	<u>Chr18</u>	<u>0 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>		
5 <u>D18S1140</u>	<u>Chr18</u>	<u>0 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>		
6 <u>WI-7796</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>15 cR</u>	<u>WC18.0</u>	-		
7 <u>WI-9074</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>12 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1465</u>		
8 <u>WI-5528</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>7 cR</u>	<u>WC18.0</u>	-		
9 <u>D18S476</u>	<u>Chr18</u>	<u>1 cM</u>	<u>0 cR</u>	<u>WC18.0</u>	-		
10 <u>WI-7226</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>		
11 <u>AFMB324ZE5</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>		
12 <u>AFMB082ZF1</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>5 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>		
13 <u>D18S1146</u>	<u>Chr18</u>	<u>1 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>		
14 <u>WI-3058</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>5 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>		
15 <u>D18S1105</u>	<u>Chr18</u>	<u>1 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-909</u>		
16 <u>WI-3730</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>5 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
17 <u>AFM077YD11</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
18 <u>D18S1098</u>	<u>Chr18</u>	<u>4 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
19 <u>WI-7469</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>16 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
20 <u>WI-7871</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>22 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
21 <u>D18S481</u>	<u>Chr18</u>	<u>5 cM</u>	<u>21 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
22 <u>WI-4747</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
23 <u>D18S1154</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
24 <u>CHLC.ATA14B09</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
25 <u>WI-7466</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>27 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
26 <u>D18S54</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	<u>25 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
27 <u>D18S63</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
28 <u>D18S459</u>	<u>Chr18</u>	<u>6 cM</u>	<u>25 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
29 <u>WI-6014</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1576</u>		
30 <u>WI-4219</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>		
31 <u>AFM238YG3</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>		
32 <u>D18S471</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>		
33 <u>D18S458</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>		

FIGURE 6B

34 <u>D18S452</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
35 <u>D18S62</u>	<u>Chr18</u>	<u>17 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
36 <u>WI-5627</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
37 <u>CHLC.GATA82D03</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>28 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
38 <u>FB25F12</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
39 <u>CHLC.GATA51H07</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
40 <u>CHLC.GATA88A12</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>30 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
41 <u>WI-9619</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
42 <u>AFMB346YA9</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-143</u>
43 <u>AFM323TC9</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-862</u>
44 <u>WI-5607</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>36 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-862</u>
45 <u>WI-9017</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>36 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-862</u>
46 <u>AFM077YF7</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
47 <u>WI-8546</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
48 <u>CHLC.GGAA16G02</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
49 <u>D18S464</u>	<u>Chr18</u>	<u>32 cM</u>	<u>46 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
50 <u>NIB1802</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>56 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
51 <u>D18S1153</u>	<u>Chr18</u>	<u>34 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
52 <u>D18S1150</u>	<u>Chr18</u>	<u>36 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
53 <u>WI-4589</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>58 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
54 <u>WI-4319</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>62 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
55 <u>D18S1158</u>	<u>Chr18</u>	<u>38 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-934</u>
56 <u>D18S1116</u>	<u>Chr18</u>	<u>40 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
57 <u>CHLC.GATA11A06.668</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>48 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
58 <u>CHLC.GATA11A06</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>54 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
59 <u>D18S53</u>	<u>Chr18</u>	<u>41 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
60 <u>WI-9134</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>52 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
61 <u>IB1114</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
62 <u>D18S482</u>	<u>Chr18</u>	<u>41 cM</u>	<u>56 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
63 <u>WI-2382</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
64 <u>WI-6819</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
65 <u>D18S71</u>	<u>Chr18</u>	<u>43 cM</u>	<u>84 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
66 <u>AFMA058YG5</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>80 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
67 <u>WI-5506</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>90 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
68 <u>D18S453</u>	<u>Chr18</u>	<u>43 cM</u>	<u>93 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-738</u>
69 <u>D18S73</u>	<u>Chr18</u>	<u>43 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
70 <u>STSG-10174</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>

FIGURE 6C

71 <u>CHLC.GCTSD07</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>101 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-377</u>
72 <u>WI-10768</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
73 <u>D18S1149</u>	<u>Chr18</u>	<u>49 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
74 <u>WI-1869</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
75 <u>D18S1104</u>	<u>Chr18</u>	<u>49 cM</u>	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
76 <u>AFMA205YH5</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
77 <u>AFMB340VES</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
78 <u>CHLC.GATA41G05</u>	<u>Chr18</u>	-	<u>185 cR</u>	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
79 <u>AFMB319WF9</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>
80 <u>D18S44</u>	<u>Chr18</u>	-	-	<u>WC18.0</u>	<u>WC-1182</u>

Details on contig assembly.

Figure 7

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control	
D18SAVA5				
225	0.04	0.02		
227	0.29	0.24		
229	0.22	0.15		
231	0.04	0.08		
233	0.14	0.23		
235	0.25	0.22		
237	0.02	0.03		
239	0.00	0.00		
D18SCA211				
183	0.02	0.04	0.01	
189	0.00	0.01	0.01	
191	0.01	0.00	0.03	
193	0.24	0.17	0.33	
195	0.21	0.19	0.18	
197	0.06	0.11	0.03	
199	0.06	0.04	0.01	
201	0.10	0.14	0.10	
203	0.02	0.04	0.06	
205	0.16	0.18	0.14	
207	0.09	0.04	0.06	
209	0.02	0.02	0.02	
211	0.01	0.00	0.00	
215	0.00	0.00	0.00	
217	0.00	0.00	0.01	
D18SCA212				
200	0.40	0.40	0.39	
202	0.31	0.32	0.29	
204	0.05	0.05	0.03	
206	0.04	0.06	0.10	
214	0.01	0.00	0.00	
216	0.14	0.12	0.15	

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control
D18S1140			
218	0.04	0.00	0.04
256	0.06	0.07	0.06
268	0.77	0.72	0.73
270	0.02	0.00	0.06
272	0.03	0.03	0.03
274	0.00	0.00	0.00
276	0.03	0.06	0.02
278	0.02	0.06	0.05
280	0.04	0.06	0.02
282	0.01	0.00	0.02
D18S559			
148	0.16	0.26	0.21
150	0.07	0.09	0.14
152	0.02	0.06	0.01
154	0.36	0.19	0.28
156	0.04	0.04	0.08
158	0.22	0.21	0.13
160	0.04	0.08	0.05
162	0.05	0.06	0.05
164	0.02	0.01	0.02
168	0.00	0.00	0.01
D18STA201			
214	0.02	0.00	0.00
220	0.09	0.09	0.04
222	0.01	0.00	0.01
228	0.01	0.01	0.00
230	0.25	0.22	0.16
			0.09
			0.03

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control
232	0.07	0.04	0.07
234	0.02	0.00	0.00
236	0.01	0.00	0.00
238	0.01	0.00	0.00
242	0.09	0.09	0.04
244	0.13	0.13	0.19
246	0.09	0.09	0.11
248	0.06	0.11	0.10
250	0.07	0.07	0.06
252	0.07	0.10	0.12
254	0.02	0.03	0.03
256	0.01	0.01	0.03
258	0.01	0.01	0.01
260	0.01	0.09	0.02
262	0.01	0.00	0.00
D18SCA231	182	0.00	0
184	0.20	0.23	0.26
186	0.70	0.66	0.68
188	0.00	0.01	0.01
190	0.02	0.00	0.02
192	0.00	0.00	0.01
194	0.02	0.02	0
196	0.00	0.00	0
198	0.02	0.01	0
200	0.01	0.01	0.01
202	0.02	0.03	0.01

MARKERNAME

aff 105 ntrans control

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control		
D18SAT201	170	0.53	0.55	0.52	
	174	0.00	0.01	0.01	
	178	0.37	0.36	0.36	
	182	0.01	0.00	0.00	
	186	0.07	0.06	0.07	
	190	0.01	0.00	0.00	
	194	0.01	0.01	0.03	
D18SCA225	160	0.16	0.20	0.21	
	168	0.02	0.04	0.00	
	170	0.00	0.00	0.01	
	172	0.47	0.38	0.42	0.09
	174	0.22	0.24	0.26	
	176	0.04	0.04	0.05	
	178	0.04	0.04	0.02	
	180	0.02	0.01	0.01	
	184	0.03	0.00	0.02	
D18SW3442	16	0.42	0.28	0.36	0.14
	12	0.01	0.01	0.01	
	14	0.07	0.11	0.11	
	16	0.12	0.17	0.12	
	18	0.18	0.15	0.14	
	20	0.05	0.09	0.09	
	22	0.08	0.10	0.11	
	24	0.05	0.08	0.03	
	26	0.00	0.00	0.02	
	38	0.00	0.00	0.00	
D18SCA213	112	0.12	0.17	0.07	
	120	0.00	0.05	0.01	
	122	0.03	0.03	0.04	
	124	0.44	0.37	0.46	

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control
D18SGAT201			
142	0.04	0.06	0.02
146	0.08	0.08	0.06
150	0.61	0.62	0.69
154	0.15	0.15	0.12
158	0.11	0.07	0.10
162	0.02	0.02	0.00
D18SGAT203			
188	0.42	0.37	0.38
192	0.12	0.14	0.17
196	0.01	0.04	0.01
200	0.02	0.04	0.01
204	0.06	0.02	0.04
208	0.19	0.21	0.20
212	0.11	0.11	0.11
216	0.09	0.07	0.08
D18SCA219			
221	0.00	0.01	
223	0.00	0.00	
225	0.00	0.00	
233	0.00	0.00	
235	0.22	0.21	
239	0.02	0.01	
241	0.54	0.63	
243	0.07	0.07	
245	0.13	0.06	
MARKERNAME	aff 105	ntrans	control

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff105	ntrans	control
D18S1105			
101	0.16	0.11	
103	0.12	0.08	
105	0.03	0.02	
81	0.02	0.01	
83	0.01	0.02	
85	0.51	0.54	
87	0.01	0.06	
91	0.00	0.00	
95	0.01	0.04	
97	0.04	0.04	
99	0.08	0.06	
D18SCA209			
173	0.57	0.53	0.69
175	0.02	0.03	0.04
177	0.20	0.18	0.09
179	0.01	0.03	0.00
181	0.19	0.24	0.18
187	0.00	0.00	0.00
D18SCA202			
182	0.16	0.14	
184	0.02	0.00	
186	0.01	0.01	
190	0.09	0.02	
192	0.10	0.16	
194	0.10	0.09	
196	0.37	0.35	
198	0.09	0.10	
200	0.05	0.08	
202	0.00	0.03	
208	0.00	0.00	
D18S1146			
270	0.32	0.35	
272	0.07	0.10	
274	0.60	0.51	

18p allele frequencies

MARKERNAME	aff 105	ntrans	control	
D18S166D05				
300	0.17	0.21	0.19	
304	0.16	0.12	0.14	
308	0.18	0.18	0.13	
312	0.35	0.26	0.36	**
316	0.08	0.18	0.11	
320	0.04	0.04	0.03	
324	0.01	0.01	0.02	
D18S476				
261	0.00	0.01	0.01	
263	0.01	0.04	0.04	
265	0.05	0.12	0.04	
267	0.20	0.26	0.23	
269	0.08	0.09	0.04	***
271	0.56	0.38	0.54	
273	0.04	0.08	0.07	
275	0.04	0.03	0.03	

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	at201	at201	PD	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
200	279	280	218	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	1 160	1 14	1 112	1 150	1 188	1
200		200	1 268	1 158	1 186	1 248	1 170	1 160	1 14	1 124	1 150	1 208	1	
200	309	200	1 282	1 150	1 202	1 220	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154	1 208	1	
204	349	200	1 268	1 158	1 184	1 250	1 170	1 184	1 22	1 112	1 158	1 212	1	
204		206	1 268	0 156	0 186	0 252	0 186	0 174	0 18	0 124	1 150	0 212	0	
206	1	2	218	0 276	0 156	0 184	0 248	0 170	0 160	0 14	0 124	1 146	0 188	0
206		200	0 268	0 148	0 184	0 248	0 170	0 170	1 10	1 126	1 146	1 192	1	
206	277	278	200	1 268	1 154	1 194	1 220	1 170	1 178	1 18	1 128	1 154	1 216	1
207		204	1 268	1 158	1 184	1 230	1 178	1 176	1 22	1 112	1 154	1 188	1	
209	0	0	200	1 268	0 154	1 186	0 242	1 170	1 172	1 10	1 126	0 146	1 188	1
209		200	1 256	0 150	1 184	0 254	1 186	1 172	1 16	1 124	0 158	1 188	1	
213	0	0	216	0 272	1 150	1 186	0 250	1 170	1 160	1 10	1 124	1 150	1 196	1
213		200	0 282	1 150	1 184	0 238	1 170	1 180	1 14	1 124	1 150	1 196	1	
213		202	1 268	1 158	1 200	1 220	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 188	1	
214	460	459	202	1 268	1 158	1 200	1 220	1 178	1 176	1 18	1 124	1 150	1 188	1
214		216	1 276	1 154	1 186	1 242	1 170	1 176	1 176	1 14	1 124	1 154	0 192	1
215	1	270	218	1 276	1 160	0 186	1 242	1 178	1 174	1 14	1 124	1 150	0 188	1
215		200	1 268	1 154	0 186	1 230	1 170	1 160	1 14	1 124	1 150	1 188	1	
216	1	259	204	1 278	0 156	1 186	0 230	1 178	1 170	1 16	1 130	1 154	0 216	1
216		200	1 268	0 162	1 184	0 252	1 170	1 160	1 14	1 128	1 150	0 192	1	
216	273	272	200	1 268	1 162	1 186	1 220	1 186	1 172	0 10	1 112	1 150	1 212	1
218		200	1 268	1 158	1 186	1 246	1 170	1 176	1 20	1 124	1 158	1 188	1	
218	0	0	202	1 256	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 154	1 188	1
219		200	1 268	1 168	1 184	1 250	1 170	1 174	1 16	1 126	1 154	1 208	1	
219		200	1 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 142	1 212	1	
220	267	2	216	0 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 172	1 10	1 126	1 154	1 216	1
220		200	0 268	1 160	1 184	0 250	1 178	0 174	0 18	0 124	1 154	1 188	1	
221	0	0	202	1 268	1 160	1 184	0 256	0 186	0 174	0 18	1 124	1 146	0 208	0
221		202	1 268	1 154	0 154	0 186	0 252	0 178	0 172	0 18	1 124	1 158	1 216	1
223	0	0	202	1 280	0 148	0 184	0 254	0 170	0 170	0 26	0 124	1 158	1 188	1
223		202	1 268	0 154	0 154	0 186	0 230	1 178	0 172	0 26	0 124	1 158	1 188	1
225	264	2	200	1 268	1 164	1 186	1 246	1 170	0 168	0 10	0 124	1 158	1 188	1
225		200	1 268	1 158	1 186	1 246	1 170	0 168	0 10	0 124	1 150	0 188	1	
226	1	2	202	1 268	0 154	0 186	0 230	0 178	0 172	0 10	0 124	1 142	0 188	1
226		202	1 256	0 148	0 184	0 254	0 170	0 170	0 174	0 16	0 124	1 150	1 192	1
228	1	260	200	1 268	1 150	1 202	1 220	1 170	1 174	0 18	1 128	1 150	1 208	1
228		200	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	1 172	0 18	1 124	1 158	1 208	1	

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	at201	at201	PDca225	w3442	ca213	ca201	ga203
229	257	2	200	1 268	0 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 192
229		216	1 256	0 158	1 186	1 244	1 186	1 174	1 174	1 24	1 124	1 146	1 216
230	0	202	1 268	1 160	1 186	1 230	1 170	1 172	0 18	1 122	1 150	1 208	1
230		202	1 268	1 158	1 186	1 248	1 170	1 160	0 12	1 124	1 150	1 216	1
231	298	216	1 268	1 158	1 186	1 220	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 204	1
231		218	1 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 174	1 22	1 126	1 150	1 204	1
232	1	310	206	1 268	1 150	1 186	1 222	1 170	1 172	1 20	1 124	1 154	0 188
232		200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 170	1 178	1 10	1 126	1 150	0 188	1
234	1	261	200	1 268	1 148	1 184	1 252	1 170	1 174	1 10	1 126	1 162	1 208
234		200	1 268	1 158	1 186	1 262	1 170	1 174	1 24	1 126	1 150	1 192	1
235	0	200	1 276	0 150	1 186	0 248	1 170	1 172	1 10	1 112	1 154	0 192	1
235		202	1 268	0 156	1 184	0 214	1 170	1 174	1 22	1 124	1 150	0 192	1
237	0	200	1 268	1 158	1 186	1 214	1 178	1 172	1 16	1 126	0 150	1 208	1
237		200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 186	1 172	1 10	1 128	1 150	1 208	1
238	456	457	202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 16	1 124	0 154	1 208
238		200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 170	1 178	1 14	1 112	1 150	1 192	1
239	312	2	218	1 268	1 160	1 186	0 248	1 170	1 172	1 16	1 124	1 154	0 208
239		200	1 268	1 158	1 184	0 242	1 178	1 172	1 18	1 124	1 150	0 188	1
240	1	2	200	1 268	1 158	0 186	1 242	0 178	1 172	1 18	1 128	0 154	0 188
240		200	1 268	1 148	0 186	1 230	0 178	1 172	1 18	1 124	0 146	0 188	1
241	1	342	216	1 268	1 158	1 184	0 246	1 170	1 172	1 20	1 126	0 150	1 188
241		200	1 268	1 158	1 186	0 250	1 170	1 172	1 10	1 124	0 142	1 188	1
242	0	216	1 268	1 156	0 186	1 244	1 186	1 174	1 14	0 126	1 150	1 192	0
242		200	1 268	1 154	0 186	1 230	1 178	0 172	0 10	0 126	1 150	1 188	0
243	347	274	200	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	0 160	0 38	1 124	1 146	1 208
243		218	1 268	1 150	1 186	1 252	1 170	0 172	1 10	1 126	1 150	1 154	1 216
245	0	0	200	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	0 172	1 16	1 124	1 150	1 192
245		202	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 172	1 16	1 126	1 150	1 188	1
246	1	262	204	0 270	1 158	1 186	1 246	1 178	0 172	1 22	1 122	1 150	1 216
246		202	0 268	1 154	1 186	1 242	1 170	0 172	1 10	1 124	1 158	1 188	1
247	303	302	202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 174	1 10	1 124	1 150	1 192
247		200	1 268	1 154	1 186	1 242	1 170	1 176	1 10	1 126	1 150	1 188	1
248	334	333	200	1 268	1 154	1 184	1 232	1 170	1 160	1 20	1 112	1 150	0
248		200	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 16	1 112	1 146	1 188	0

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
249	1	2	200	0 268	0 154	0 186	1	230	0 194	0 172	0	10 0 124	1 150 1 188
249			216	0 256	0 148	0 186	1	246	0 178	0 174	0	16 0 124	1 150 1 188
251	301	216	1 272	1 150	1 184	1 250	1 170	1 160	1 10	1 124	1	150	1 212 1
251			216	1 268	1 158	1 186	1 244	1 186	1 174	1 20	1	124	1 150 1 188
252	1	285	200	0 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1	124	0 150 1 188
252			204	0 268	1 158	1 186	1 246	1 170	1 160	1 18	1	126	0 150 1 216
253	1	258	216	0 268	1 160	1 186	1 228	1 170	1 160	1 16	1	124	1 150 1 188
253			200	0 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	1 16	1	126	1 150 1 216
254	467	2	202	1 268	1 160	1 186	1 230	1	170	0 172	1	18	1 122 0
254			200	1 268	1 154	1 186	1 230	1	178	0 172	1	10	1 124 1 142 1 188 0
265	1	266	216	1 272	1 150	1 184	1 250	1 250	1 170	1 160	1	110	1 126 0 150 1 212
265			202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1	124	0 150 1 188
311	1	485	216	1 268	1 154	1 186	1 244	1 244	1 170	1 160	1	110	1 126 1 150 1 188
311			200	1 268	1 162	1 186	1 242	1 242	1 186	1 174	1	10	1 124 1 158 1 208
314	313	313	200	1 268	1 148	1 184	1 248	1 248	1 170	1 168	1	18	0 124 1 150 1 208
314			216	1 268	1 162	1 184	1 250	1 250	1 170	1 172	1	10	0 126 1 150 1 188 1 208 0
316	1	317	214	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1	124	1 150 1 188 0
316			200	1 268	1 154	1 186	1 242	1 242	1 170	1 172	1	10	1 126 1 150 1 188 1
319	318	2	202	0 272	0 158	0 184	0 244	0 244	1 178	0 184	0	10	1 126 0 150 1 188 1
319			200	0 256	0 154	0 186	0 244	0 244	1 170	0 174	0	10	1 112 0 150 1 188 0
321	1	320	202	0 268	1 158	0 186	0	0	0 178	1 178	0	18	1 128 0 150 1 188 1
321			200	0 268	1 154	0 186	0	0	0 170	1 172	0	10	1 124 0 150 1 188 1 208 0
324	0	0	202	1 268	1 158	1 186	1 232	1 232	1 178	1 172	0	24	1 112 1 150 1 188 1 208 1
324			216	1 268	1 150	1 196	1 220	1 220	1 170	1 160	0	18	1 128 1 154 1 188 1 208 1
326	325	336	206	1 280	1 152	1 198	1 232	1 232	1 170	1 172	1	16	1 124 1 150 1 188 1 208 1
326			202	1 268	1 154	1 186	1 232	1 232	1 178	1 172	1	16	1 132 1 150 1 188 1 208 1
329	1	330	200	1 268	1 154	0 186	1 248	1 248	1 170	1 160	1	14	1 128 1 150 1 188 1 208 1
329			206	1 268	1 148	0 186	1 234	1 234	1 170	1 172	1	12	1 124 1 150 1 188 1 208 1
356	362	2	216	1 268	1 154	1 186	0 232	0 232	1 178	1 172	1	10	0 126 0 150 1 188 1 208 1
356			204	1 268	1 164	1 186	1 232	1 232	1 170	0 172	1	18	0 126 1 150 1 188 1 208 1
211	1	2	200	0 268	1 154	0 186	0	0	0 198	0 252	0	178	1 172 1 188 1
211			204	0 268	1 148	0 186	0	0	1 172	1	18	0 112 0 154 0 188 1	
353	1	352	218	1 280	0 148	1 186	1 246	1 246	1 170	1 160	1	18	1 132 1 154 1 192 1
353			200	1 268	0 148	1 186	1 246	1 246	1 170	1 172	1	18	1 112 1 146 1 192 1
356	362	2	216	1 268	1 154	1 186	0 248	0 248	1 178	0 172	1	10	0 124 1 150 1 208 1
356			204	1 268	1 164	1 186	0 232	0 232	1 170	0 172	1	18	0 126 1 150 1 208 1

	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	at201	PDca225	w3442	ca213	ga201	ga203
357 1	358	202	0 268	1	154	0 186	1 232	1 178	1 160	1 10	1 128	0 150
357		214	0 278	1	158	0 186	1 248	1 178	1 184	1 10	1 124	0 150
359	378	365	202	1 268	1 54	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 126	1 154
359		202	1 272	1 158		1 184	1 244	1 178	1 184	1 10	1 112	1 150
367 1	366	202	1 268	1 154		1 186	1 232	1 178	1 172	1 10	1 126	1 158
367		202	1 268	1 154		1 186	1 242	1 178	1 172	1 10	1 112	1 142
372 1	370	200	1 268	1 154		1 186	0	0	0 172	1 10	1 124	0 150
372		216	1 268	1 148		1 184	0	0	0 174	1 10	1 126	0 150
384	389	2	202	1 268	1 156	1 186	1 246	1 170	1 174	1 10	1 126	1 158
384		202	1 268	1 154		1 186	1 250	1 170	1 174	1 10	1 126	1 158
409	408	410	216	1 268	1 148	1 200	1 220	1 170	1 184	1 24	1 132	1 154
409		202	1 268	1 154		1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 150
435 1	433	200	1 280	1 148		1 184	1 252	1 178	1 178	0 22	1 126	1 150
435		202	1 268	1 156		1 194	1 220	1 170	1 172	0 22	1 126	1 150
443 1	444	206	1 280	1 148		1 186	1 246	1 178	1 176	0 14	1 128	1 154
443		202	1 256	1 154		1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1 150
458 1	551	200	1 268	1 162		1 186	1 230	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150
458		200	1 268	1 154		1 186	1 234	1 178	1 172	1 12	1 128	1 154
488 1	508	216	1 268	1 160		1 184	1 232	1 170	1 172	1 18	1 122	1 150
488		216	1 268	1 160		1 184	1 232	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150
501	528	527	200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 176	1 172	1 16	1 126
501		206	1 268	1 154		1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 126	1 154
505 1	502	202	1 268	1 158		1 186	1 244	1 170	1 172	1 12	1 126	1 150
505		200	1 268	1 158		1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 126	1 150
516 1	517	202	0 268	1 158	0	0	0	0	0	0 10	1 128	0
516		200	0 268	1 148	0	0	0	0	0	0 10	1 124	0
537 1	534	202	1 256	1 154		1 186	1 230	1 178	0 172	1 10	1 124	1 150
537		216	1 268	1 154		1 184	1 230	1 170	0 172	1 10	1 126	1 146
531 1	529	202	0 268	1 150		1 184	1 254	1 170	1 160	1 18	0 124	1 158
531		200	0 268	1 154		1 186	1 244	1 170	1 174	1 10	0 124	1 150
574 0	0	206	1 274	0 152		1 194	1 236	1 170	1 174	0 18	1 124	1 150
574		200	1 268	0 148		1 184	1 252	1 186	1 172	0 18	1 124	1 150
578	576	579	202	1 280	1 154	1 186	1 214	1 170	1 174	1 18	1 124	1 150
578		202	1 268	1 154		1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 162

Affected haplotypes

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PD	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203	
587	580	582	202	1 256	1 158	1 186	1 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 208	1	
587			202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 132	1 150	1 208	1	
361	1	360	204	0 270	1 158	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 208	1	
361			202	0 276	1 148	1 186	1 236	1 170	1 172	1 20	1 128	1 150	1 212	1	
368	0	204	1 268	1 164	1 186	1 242	0 178	0 172	1 10	1	124	0 150	1 192	1	
368			202	1 256	1 154	1 186	1 230	0 170	0 160	1 10	1	126	0 154	1 212	1
374	1	2	200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 178	0 10	1 126	0 150	0 188	0	
374			200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	0 10	1 124	0 142	0 212	0	
399	0	0	202	1 268	1 148	1 184	1	0 170	1 174	0 16	1 124	1 142	1 188	1	
399			204	1 272	1 158	1 186	1	0 178	1 172	0 18	1 126	1 150	1 200	1	
411	1	2	216	0 270	0 164	0	184	0 252	0	0 170	0 174	0 18	0 124	1 150	0 188
411			202	0 268	0 154	0	186	0 230	0	0 178	0 160	0 10	0 124	1 142	0 188
413	414	412	200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 178	1 176	1 18	1 112	1 150	1 188	1
413			202	1 280	1 148	1 186	1 244	1 170	1 176	1 24	1 126	1 154	1 188	1	
236	697	698	216	1 268	1 158	1 186	1 220	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 204	1	
236			216	1 268	1 158	1 186	1 220	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 204	1	
421	0	0	200	1 268	1 148	1	184	0 252	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188	1
421			202	1 268	1 152	1	186	0 242	1 190	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188	1
424	1	2	200	1 268	1 158	0 194	0	220	0	0 170	0 178	0 24	0 128	0 150	0 208
424			200	1 268	1 154	0 186	0	232	0	178	0 160	0 18	0 112	0 146	0 192
452	1	2	202	0	256	0	148	0 184	1 252	0 170	1 174	0 16	0 124	1 158	0 188
452			200	0	268	0	154	0 184	1 250	0 170	1 160	0 10	0 124	1 150	0 188
473	1	472	202	1 268	1 162	1 186	1 246	1 170	1 180	1 22	0 126	1 150	1 212	1	
473			218	1 268	1 148	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	0 124	1 146	1 188	1	
484	482	2	200	1 276	1 148	1	182	0 246	1 170	1 174	1 14	1 124	1 150	1 188	1
484			206	1 256	1 154	1	186	0 244	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 192	1
487	1	486	200	1 268	1 158	1 190	0 248	1 170	1 174	1 12	0 126	1 158	1 192	1	
487			202	1 278	1 148	1 186	0 246	1 182	1 180	1 10	0 112	1 150	1 208	1	
498	1	476	202	0 268	1 154	1 186	1 234	1 178	0 172	1 24	1 126	0 158	0 212	0	
498			200	0 268	1 154	1 186	1 230	1 170	0 172	1 10	1 112	0 150	0 188	0	
498			0	202	1 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 204	1
489	0	0	200	1 268	1 148	1 202	1 220	1 178	1 172	1 10	1 132	1 162	1 208	1	
489			200	1 268	1 160	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 122	1 150	1 208	1	
498	1	635	200	1 268	1 164	1 186	1 246	1 170	1 172	1 18	1 112	1 150	1 188	1	
498			200	1 268	1 164	1 186	1 246	1 170	1 172	1 18	1 112	1 150	1 188	1	

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PDca225	w3442	ca213	ca201	ga201	ga203
566	0	216	1268	1148	1202	1220	0178	1174	110	1124	1150	1212	1	1
566	202	1268	1154	1186	1230	0178	1172	110	1128	1150	1208	1	1	1
566	1	202	0268	1154	1186	0230	1178	1172	010	1124	1154	0192	1	1
514	2	200	0268	1154	1184	0230	1178	1168	010	1124	1146	0192	1	1
514	633	202	1270	0148	1184	1254	1170	1170	1168	016	1132	0162	1212	0
536	200	1268	0154	1186	1252	1178	1172	024	1124	0154	1188	0	0	0
605	1	216	0268	1158	0198	0244	0	170	0172	116	0124	1158	200	0
605	200	0268	1150	0186	0220	0	178	0172	110	0124	1150	0150	0	0
540	539	562	200	1268	1154	1186	1230	1178	1172	110	1124	1150	1216	1
540	216	1268	1148	1186	1230	1194	1172	122	1112	1154	1212	1	1	1
684	1	730	202	0268	1158	1186	1232	1178	1160	124	1112	1150	1212	1
684	200	0268	1154	1186	1244	1170	1160	110	1126	1150	1188	1	1	1
608	1	206	0268	1156	0192	0244	0170	1178	022	0126	1150	1204	0	0
608	202	0268	1154	0186	0220	0170	1174	010	0126	1150	1188	0	0	0
637	1	638	216	1268	1162	0186	1250	1182	1172	110	1124	1142	0203	1
637	200	1268	1154	0186	1230	1178	1172	110	1124	1150	0212	1	1	1
649	647	646	200	1268	1154	1186	1230	1178	1172	110	1124	1150	1188	1
649	200	1270	1162	1184	1250	1170	1180	110	1112	1154	1188	1	1	1
653	1	652	200	1280	0160	0184	1230	1178	1184	120	1128	1154	1	0
653	200	1268	0148	0186	1230	1178	1168	122	1112	1150	1	0	0	0
491	1	204	0268	1158	0194	0256	0178	0180	022	0124	1158	0204	0	0
491	202	0268	1148	0184	0230	0170	0174	010	0124	1154	0188	0	0	0
493	1	202	0282	0158	0186	1242	1170	1174	016	0124	1158	0212	0	0
493	200	0268	0156	0186	1242	1170	1172	014	0124	1150	0204	0	0	0
506	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
506	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
661	660	662	200	1278	1156	1198	1220	1170	1174	120	1126	1154	1204	1
661	200	1268	1148	1184	1250	1186	1174	118	1120	1150	1188	1	1	1
667	666	668	202	1268	1154	1186	124	1170	1160	122	1124	1146	1212	1
667	202	1268	1162	1186	1246	1178	1172	118	1126	1150	1188	1	1	1
669	670	671	202	1268	1162	1186	1258	1186	1174	118	1126	1150	1188	1
669	200	1268	1154	1186	1244	1170	1160	110	1126	1158	1188	1	1	1
676	1	678	202	0268	1158	1190	1244	1178	1172	116	1126	1158	1216	1
676	200	0280	1148	1184	1252	1178	1172	122	1126	1150	1150	1216	1	1

18p	PAN	MAN	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	PD ca225	w3442	ca213	ga201	ga20	ga203
681	1	2	202	0	256	0 162	0 186	1 260	0 186	0 174	0 18	0 126	0 150	1 192
681		200	0	268	0 154	0 186	1 230	0 178	0 172	0 10	0 124	0 150	0 150	1 188
354	2	202	1 268	1 54	1 186	1 230	1 178	1 172	1 172	1 16	1 126	1 150	1 188	1
351		216	1 268	1 156	1 186	1 244	1 186	1 174	1 174	1 24	1 124	1 150	1 208	1
355	1	2	216	0 272	0 158	0 190	0 248	0	170	0 172	1 18	0 126	0 158	0 188
355		204	0 268	0 152	0 186	0 244	0	178	0 172	1 10	0 124	0 150	0 150	0 188

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1 85	1 173	1 192	1 272	1 312	1 271
233	1 99	1 181	1 196	1 270	1 304	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 274	0 312	1 273
245	1 103	1 177	1 194	1 270	0 308	1 267
241	1 85	1 173	1 198	0 274	1 308	0 275
241	1 85	1 173	1 194	0 274	1 304	0 271
241	1 87	1 173	1 182	1 272	1 300	1 271
235	1 101	1 181	1 196	1 274	1 312	1 271
235	1 85	1 173	1 182	1 274	1 312	1 271
243	1 85	1 173	1 192	1 274	1 316	1 267
245	1 103	1 177	1 194	0 274	0 312	1 271
235	1 91	1 181	1 182	0 270	0 316	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 274	1 312	1 271
241	1 103	1 177	1 196	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 196	0 270	1 300	1 271
235	1 85	1 181	1 190	0 274	1 312	1 267
235	1 81	1 173	1 182	1 274	1 324	1 271
223	1 83	1 173	1 192	1 274	1 300	1 267
245	1 103	1 177	1 196	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 265
241	1 105	0 173	1 196	1 270	1 304	1 267
241	1 101	0 173	1 196	1 270	1 308	1 271
241	1 87	0 173	1 192	1 274	1 312	1 271
241	1 85	0 173	1 196	1 274	1 304	1 267
245	1 97	1 177	1 194	1 274	1 312	0 271
235	1 99	1 181	1 198	1 274	1 300	0 271
241	0 95	0 181	0 198	0 274	1 320	0 273
235	0 85	0 173	0 196	0 274	1 308	0 271
241	0 85	0 173	1 200	0 274	0 312	0 271
243	0 101	0 173	1 196	0 270	0 304	0 267
241	1 85	1 173	1 182	1 274	1 316	1 271
241	1 99	1 173	1 200	1 274	1 300	1 269

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1 85	1 177	1 196	1 270	1 304	1 271
245	1 99	1 177	1 192	1 274	1 308	1 265
245	1 97	1 177	1 196	0 274	1 304	1 275
245	1 99	1 177	1 192	0 270	1 308	1 267
243	1 103	1 175	1 198	1 274	1 300	1 271
245	1 85	1 173	1 194	1 274	1 312	1 271
235	1 101	0 181	0 196	1 270	1 316	1 267
235	1 85	0 173	0 196	1 274	1 300	1 271
241	1 85	1 173	1 200	0 270	1 304	1 273
241	1 85	1 177	1 198	0 274	1 308	1 271
241	0 101	0 177	1 182	1 274	1 312	1 273
235	0 85	0 177	1 190	1 274	1 300	1 275
241	1 85	1 173	1 194	1 274	1 308	1 271
239	1 85	1 173	1 196	1 270	1 308	1 271
245	0 85	1 177	1 198	1 274	1 320	1 271
241	0 85	1 173	1 196	1 274	1 308	1 265
241	1 99	0 177	1 198	1 270	1 312	1 271
241	1 85	0 173	1 182	1 270	1 312	1 263
241	0 101	0 187	0 200	0 270	1 312	0 271
235	0 85	0 173	0 182	0 270	1 300	0 271
241	0 101	1 181	0 196	1 274	1 308	0 275
235	0 83	1 173	0 196	1 274	1 304	0 267
241	1 85	1 173	1 196	1 270	1 300	1 275
235	1 101	1 181	1 196	1 272	1 300	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 300	1 271
239	1 103	1 173	1 194	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 194	1 274	1 316	1 271
241	1 85	1 173	1 196	1 270	1 308	1 271
241	1 105	1 173	1 196	1 274	1 312	0 271
235	1 101	1 181	1 182	1 270	1 300	0 267
243	1 85	1 173	1 196	1 274	1 300	1 271
241	1 85	1 173	1 190	1 270	1 316	1 271
241	1 85	1 177	1 196	1 274	1 304	1 271
241	1 85	1 173	1 196	1 270	1 312	1 267

	ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1	85	0 173	1 192	0 272	0 312	0 273
241	1	103	0 173	1 182	0 270	0 304	0 267
245	1	103	1 181	0 194	1 270	1 312	1 271
235	1	101	1 177	0 202	1 274	1 312	1 271
241	0	103	1 181	0 196	1 276	0 304	1 271
235	0	101	1 173	0 208	1 274	0 300	1 267
241	1	85	1 173	1 198	1 274	1 304	1 271
241	1	85	1 173	1 190	1 274	1 312	1 271
245	1	97	1 177	1 196	1 274	1 304	1 275
235	1	99	1 181	1 196	1 274	1 304	1 271
245	1	103	1 177	1 194	1 270	1 312	1 271
245	1	85	1 173	1 192	1 274	1 308	1 267
235	1	101	1 181	1 196	0 272	1 300	1 271
241	1	85	1 173	1 184	0 274	1 320	1 269
245	1	85	1 177	1 196	1 274	1 312	1 271
235	1	101	1 181	1 182	1 270	1 312	1 269
241	0	103	0 181	0 190	1 274	1 312	0 271
235	0	101	0 173	0 190	1 274	1 304	0 267
241	1	101	1 181	0 196	0 274	1 312	1 271
235	1	103	1 173	0 192	0 274	1 300	1 271
0	101	1	0	0	0 270	1 304	1
0	85	1	0	0	0 272	1 300	1
241	1	85	1 173	1 194	0 274	0 312	1 269
241	1	101	1 177	1 182	0 270	0 312	1 267
241	1	85	1 173	1 182	1 276	1 320	1 269
241	1	85	1 173	1 194	1 270	1 300	1 271
241	1	85	1 173	1 182	1 272	0 304	1 271
241	1	85	1 173	1 182	1 270	0 316	1 271
241	0	85	1 181	1 190	0 274	1 316	0 267
235	0	85	1 181	1 182	0 274	1 312	0 263
235	1	81	1 179	1 196	0 274	1 312	1 269
235	1	85	1 179	1 182	0 274	1 312	1 271
235	1	85	0 181	1 194	1 274	1 300	1 275
235	1	85	0 181	1 196	1 270	1 300	1 271
241	1	101	0 173	1 196	1 270	1 300	1 271

Affected haplotypes

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
243	0 103	0 177	0 196	0 274	0 308	1 271 1
241	0 85	0 173	0 190	0 270	0 312	1 265 1
235	1 99	1 181	1 196	1 274	1 308	1 271 0
235	1 101	1 181	1 196	1 272	1 308	1 267 0
241	1 85	1 177	0 192	1 270	1 316	0 269 0
245	1 85	1 173	0 184	1 274	1 308	0 265 0
241	1 99	1 177	1	0 274	0 308	1 267 1
241	1 105	1 173	1	0 270	0 300	1 271 1
241	0 103	1 181	0 190	1 274	1 312	1 271 1
235	0 97	1 173	0 198	1 270	1 300	1 267 1
241	1 99	1 177	0 182	1 274	1 308	1 271 1
241	1 85	1 173	0 196	1 274	1 300	1 271 1
245	1 85	1 177	1 182	1 274	1 312	1 273 1
245	1 85	1 177	1 182	1 274	1 312	1 267 1
241	1 85	1 175	1 196	1 274	1 320	1 261 1
241	1 101	1 173	1 196	1 270	1 304	1 267 1
241	0 85	1 173	1 186	1 270	1 316	1 269 1
239	0 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 273 1
235	1 101	1 181	1 184	1 274	1 324	1 269 1
235	1 101	1 181	1 184	1 274	1 324	1 269 1
241	1 85	1 173	1 190	1 274	0 316	1 271 1
245	1 101	1 175	1 196	1 270	0 308	1 271 1
241	1 85	1 173	1 196	0 270	1 316	1 267 1
243	1 85	1 173	1 192	0 274	1 308	1 267 1
241	0 99	0 181	0 196	0 274	1 312	1 271 0
235	0 85	0 173	0 192	0 274	1 312	1 267 0
241	1 101	0 173	1 196	1 270	1 304	1 267 1
225	1 83	1 173	1 192	1 270	1 308	1 269 1
241	1 85	1 173	1 182	1 274	0 312	0 271 1
241	1 85	1 181	1 182	1 270	0 308	0 269 1
245	1 103	1 177	1 196	0 270	1 304	1 267 1
241	1 105	1 173	1 192	0 274	1 316	1 271 1

Affected haplotypes

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
0 85	1 173	1 190	1 274	1 312	1 271	1
0 101	1 181	1 198	1 272	1 312	1 263	1
241 1 99	1 177	0 198	1 274	1 312	1 271	1
241 1 101	1 173	0 196	1 276	1 304	1 265	1
241 1 85	1 173	1 196	1 270	1 304	1 271	1
241 1 85	1 173	1 190	1 270	1 312	1 271	1
241 1 85	0 173	1 200	0 270	1 312	0 271	1
241 1 101	0 173	1 186	0 270	1 304	0 271	1
243 1 85	1 173	1 200	1 274	1 312	1 271	1
235 1 95	1 181	1 196	1 274	1 312	1 271	1
241 0 85	1 173	1 200	1 274	1 312	0 271	1
243 0 85	1 173	1 200	1 274	1 308	0 271	1
241 1 85	1 173	1 194	1 274	1 300	1 275	1
241 1 85	1 181	1 196	1 274	1 300	1 271	1
243 1 103	1 175	1 198	1 274	1 300	1 271	1
243 1 103	1 175	1 196	1 274	1 308	1 271	1
235 1 97	1 181	1 196	1 274	1 300	1 271	1
235 1 99	1 181	1 192	1 270	1 312	1 267	1
241 0 101	0 181	0 194	0 274	0 308	0 271	0
235 0 85	0 173	0 182	0 272	0 300	0 267	0
243 0 103	0 173	1 196	1 274	1 308	0 269	0
241 0 85	0 173	1 196	1 274	1 304	0 267	0
241 1 87	1 177	0 196	1 274	0 312	1 271	1
241 1 85	1 173	0 194	1 270	0 300	1 275	1
241 1 105	1 173	1 196	1 274	0 312	1 271	0
241 1 85	1 173	1 192	1 270	0 312	1 267	0
243 0 85	1 173	1 198	1 270	1 304	1 271	1
241 0 85	1 173	1 196	1 274	1 312	1 271	1
241 1 85	1 173	1 196	1 274	1 308	1 271	0
241 1 85	1 173	1 182	1 274	1 320	1 265	0
245 0 85	1 177	0 198	1 274	1 304	1 271	0
241 0 85	1 173	0 194	1 274	1 312	1 267	0
241 1 103	1 177	1 196	1 270	1 316	1 267	1
235 1 99	1 181	1 192	1 270	1 312	1 271	1

	ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
245	1 105	0 177	1 196	1 274	1 300	1 267	1
245	1 85	0 177	1 198	1 274	1 320	1 271	1
241	1 97	0 177	0 196	1 274	0 304	0 271	1
241	1 85	0 173	0 196	1 272	0 300	0 271	1
241	1 99	0 177	0 196	1 274	1 312	1 271	1
241	1 85	0 173	0 182	1 274	1 312	1 271	1
243	0 85	1 173	1 200	0 274	1 308	1 271	1
235	0 85	1 173	1 194	0 274	1 308	1 271	1
241	1 85	1 173	1 190	1 274	0 312	1 267	1
235	1 85	1 173	1 196	1 272	0 316	1 267	1
241	0 85	1 181	0 196	1 274	0 312	1 269	1
235	0 101	1 173	0 196	1 272	0 300	1 271	1
245	0 101	0 173	0 182	0 274	1 312	1 273	0
241	0 85	0 177	0 190	0 274	1 312	1 267	0
239	1 85	1 173	1 190	1 270	1 300	1 271	1
241	1 85	1 173	1 198	1 274	1 304	1 271	1
241	0 85	1 173	1 198	1 270	1 304	1 271	1
243	0 85	1 173	1 182	1 274	1 312	1 269	1
245	1 85	1 179	1 196	1 270	1 308	1 271	1
241	1 85	1 173	1 196	1 270	1 304	1 265	1
241	0 103	0 173	1 198	0 274	1 308	1 269	0
235	0 81	0 173	1 196	0 274	1 308	1 265	0
241	1 103	0 177	0 196	0 270	1 308	0 271	0
241	1 85	0 173	0 190	0 270	1 300	0 269	0
245	0	0	0	0	0	0	0
241	0	0	0	0	0	0	0
235	1 81	1 173	1 196	1 276	1 300	1 271	1
241	1 85	1 173	1 196	1 274	1 308	1 265	1
245	1 103	1 177	1 196	1 270	1 308	1 271	1
235	1 97	1 181	1 192	1 274	1 312	1 271	1
241	1 101	0 173	1 192	1 274	1 316	1 271	1
235	1 85	0 181	1 190	1 270	1 312	1 271	1
235	1 97	1 181	1 198	1 274	1 312	0 271	1
243	1 103	1 173	1 182	1 274	1 308	0 273	1

	ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1 103	0	177	0	190	0	270
241	1 85	0	173	0	196	0	274
241	1 101	1 173	1 192	1 274	1 312	0	304
245	1 105	1 177	1 194	1 274	1 320	1 271	0
241	1 103	0 177	0 196	1 274	0 316	0 267	1
241	1 85	0 173	0 196	1 270	0 304	0 267	1

Figure 9

Nontransmitted Chromosomes

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
279	200	235	1 193	1 216	1 268	1 148	1 186	1 246	1 194	1 172	1 16	1 124	1 150	1 188
280	200	233	1 205	1 202	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 124	1 150	1 192
349	204	235	1 197	1 202	1 268	1 156	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 216
309	204	235	1 195	1 202	1 268	1 148	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 124	1 142	1 192
277	207	227	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1 252	1 186	1 174	1 18	1 124	1 146	1 212
278	207	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 20	1 124	1 150	1 200
459	214	233	1 197	1 200	1 268	1 152	1 184	1 248	1 186	1 174	1 10	1 124	1 142	1 208
460	214	233	1 203	1 216	1 280	1 158	1 184	1 248	1 170	1 184	1 16	1 124	1 146	1 216
270	215	235	1 193	1 200	1 268	1 154	0 188	1 246	1 170	1 160	1 24	1 124	1 150	0 188
259	216	231	1 193	1 200	1 268	0 150	1 184	0 254	1 186	1 172	1 10	1 124	1 150	0 188
272	218	233	1 195	1 204	1 268	1 150	1 186	1 248	1 178	1 172	0 22	1 126	1 146	1 188
273	218	235	1 193	1 200	1 256	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1 142	1 188
267	220	233	1 205	1 200	0 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 160	1 14	1 124	1 158	1 188
264	225	227	1 201	1 200	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 168	0 10	0 126	1 150	1 192
260	228	229	1 197	1 200	1 268	1 164	1 186	1 250	1 178	1 172	0 14	1 112	1 154	1 188
257	229	227	1 207	1 200	1 256	0 160	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 122	1 150	1 208
298	231	233	1 193	1 200	1 280	1 158	1 186	1 232	1 178	1 172	1 12	1 112	1 154	1 188
299	231	229	1 207	1 200	1 268	1 148	1 202	1 220	1 170	1 160	1 14	1 112	1 158	1 208
310	232	233	1 205	1 202	1 268	1 148	1 204	1 220	1 170	1 160	1 24	1 112	1 150	0 188
261	234	233	1 189	1 206	1 272	1 154	1 186	1 250	1 178	1 174	1 18	1 126	1 158	1 188
697	235	236	1 197	1 200	1 268	1 154	1 186	1 230	1 186	1 174	1 10	1 112	1 150	1 208
698	236	233	1 195	1 202	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 216
456	238	235	1 199	1 216	1 268	1 160	1 184	1 248	1 170	1 172	1 16	1 124	1 150	1 208
457	238	233	1 197	1 200	1 268	1 160	1 186	1 230	1 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208
312	239	227	1 197	1 202	1 268	1 148	1 184	0 246	1 170	1 178	1 24	1 112	1 150	0 208
342	241	227	1 193	1 202	1 256	1 158	1 184	0 250	1 170	1 174	1 10	1 124	0 146	1 188
347	243	229	1	0 216	1 278	1 150	1 186	1 244	1 170	0 160	0 10	1 112	1 150	1 188
274	243	233	1 193	1 204	1 268	1 160	1 186	1 244	1 170	0 160	0 14	1 124	1 150	0 208
262	246	231	1 193	0 202	0 268	1 148	1 202	1 230	1 170	0 172	1 22	1 124	1 150	1 208
302	247	235	1 195	1 200	1 256	1 150	1 186	1 242	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188
303	247	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 14	1 128	1 150	1 188
334	248	225	1 183	1 216	1 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 188
333	248	233	1 205	1 200	1 268	1 152	1 186	1 230	1 178	1 172	1 18	1 124	1 142	1 188
300	251	227	0 193	1 200	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 18	1 120	1 150	1 216

Nontransmitted Chromosomes

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
301	251	227	0 205	1 200	1 276	1 148	1 184	1 252	1 170	1 172	1 24	1 124	1 150	1 188
285	252	231	1 193	1 200	0 268	1 148	1 184	1 252	1 170	1 174	1 16	1 124	0 150	1 192
258	253	229	1 193	1 200	0 268	1 148	1 186	1 230	1 194	1 172	1 22	1 112	1 154	1 208
467	254	229	1 197	1 216	1 280	1 160	1 184	1 250	1 170	0 172	1 22	1 126	1 154	1 188
266	265	227	0 195	1 202	1 268	1 160	1 186	1 260	1 178	1 174	1 16	1 124	0 158	1 208
485	311	227	1 205	1 200	1 268	1 158	1 184	1 230	1 178	1 184	1 20	1 128	1 154	1 212
313	314	227	1 195	1 202	1 268	1 162	1 186	1	0 170	1 172	1 10	0 124	1 150	1 212
348	314	227	1 195	1 200	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 172	1 10	0 128	1 150	1 208
317	316	227	1 201	1 202	1 268	1 152	1 186	1 244	1 170	1 174	1 14	1 112	1 154	1 188
318	319	227	0	0	0	0 256	0 154	0	0	0	0 16	1	0	0
320	321	237	1 201	0 200	0 268	1 154	0 186	0 220	1 170	1 172	0 20	1 124	0 146	0 192
336	326	227	1 193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154
325	326	227	1 201	1 202	1 276	1 148	1 186	1 244	1 170	1 176	1 20	1 126	1 150	1 192
330	329	233	1 197	1 202	1 268	1 148	0 184	1 256	1	178	1 172	1 16	1 124	1 162
476	331	229	0 199	1 200	0 276	1 154	1	0 244	1	170	0 160	1 10	1 112	0 150
354	351	233	1 201	0 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188
352	353	225	0 207	1 200	1 268	0 154	1 194	1 220	1 170	1 178	1 18	1 128	1 146	1 192
362	356	231	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	0 230	1 170	0 172	1 110	0 128	1 150	1 208
358	357	235	1 205	1 202	0 256	1 154	0 186	1 230	1 178	1 172	1 10	0 124	0 154	1 216
365	359	233	1 205	1 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188
378	359	231	1 201	1 202	1 268	1 162	1 186	1 230	1 186	1 174	1 18	1 126	1 150	1 188
360	361	227	0 195	1 202	0 268	1 162	1 186	1 250	1 170	1 172	1 18	1 124	1 150	1 212
366	367	227	1 193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 160	1 10	1 124	1 142	0 188
370	372	227	0 201	1 202	1 268	1 150	1 184	0 244	0 170	1 174	1 14	1 124	0 150	1 188
389	384	231	1 203	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 126	1 150	1 200
408	409	229	1 205	1 216	1 276	1 154	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 126	1 150	1 188
410	409	229	1 197	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 120	1 150	1 188
414	413	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 242	1 178	0 174	1 18	1 124	1 158	1 196
412	413	235	1 193	1 200	1 256	1 156	1 186	1 246	1 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 212
433	435	227	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	1 242	1 170	1 172	0 16	1 112	1 150	1 204
444	443	235	1 205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 232	1 178	1	0 24	1 112	1 150	0 188
551	458	235	1 201	1 206	1 268	1 148	1 184	1 248	1 170	1 174	1 14	1 124	1 158	1 188
472	473	233	1 193	1 200	1 268	1 156	1 186	1 248	1 178	1 184	1 10	0 112	1 146	1 188
482	484	233	0 197	1 200	1 268	1 158	1 182	0 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 188

ERSN	KID	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
486	487	227	1 201	1 202	1 256	1 154	1 186	0 230	1 178	1 172	1 10	0 124	1 150	1 188
508	488	233	1 205	1 202	1 268	1 148	1 184	1 220	1 170	1 160	1 24	1 112	1 150	1 188
635	498	227	1 193	1 202	1 268	1 148	1 184	1 254	1 170	1 174	1 16	1 124	1 142	1 188
527	501	229	1 183	1 216	1 280	1 158	1 186	1 230	1 170	1 172	1 22	1 126	1 146	1 212
528	501	225	1 183	1 216	1 268	1 152	1 186	1 242	1 170	1 176	1 10	1 126	1 154	1 208
502	505	235	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1	0 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188
517	516	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
529	531	233	1 205	1 200	0 268	1 158	1 186	1 242	1 170	1 180	1 10	0 128	1 150	1 204
633	536	229	0 201	1 200	1 268	0 154	1 186	1 230	1 178	1 168	0 10	1 124	0 150	1 0
532	537	227	1 201	1 200	1 268	1 150	1 186	1 242	1 170	0 172	1 10	1 126	1 150	1 192
534	537	235	1 205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 232	1 170	0 160	1 24	1 112	1 150	1 208
562	540	229	1 195	1 202	1 268	1 160	1 184	1 250	1 170	1 160	1 18	1 124	1 150	1 212
539	540	229	1 207	1 200	1 268	1 154	1 194	1 220	1 170	1 178	1 18	1 128	1 150	1 192
576	578	235	1 199	1 200	1 256	1 158	1 186	1 246	1 170	1 174	1 10	1 124	1 158	1 188
579	578	233	1 199	1 200	1 278	1 148	1 186	1 246	1 170	1 184	1 16	1 124	1 150	1 208
582	587	227	1 201	1 202	1 268	1 148	1 202	1 220	1 178	1 184	1 10	1 128	1 150	1 212
580	587	229	1	0 200	1 268	1 164	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	1 126	1 142	1 212
638	637	237	1 203	1 206	1 268	1 154	0 186	1 228	1 170	1 160	1 22	1 126	1 142	1 216
647	649	229	1 195	1 202	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 160	1 10	1 124	1 150	1 200
646	649	231	1 201	1 206	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 16	1 126	1 150	1 188
652	653	235	1 201	1 206	1 268	0 154	0 186	1 230	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 188
662	661	235	1 209	1 202	1 280	1 154	1 186	1 242	1 178	1 172	1 16	1 122	1 150	1 192
660	661	233	1 183	1 216	1 268	1 158	1 186	1	0 170	1 160	1 14	1 124	1 154	1 188
666	667	235	1 203	1 202	1 268	1 158	1 186	1 246	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188
668	667	237	1 209	1 202	1 268	1 150	1 186	1 252	1 178	1 172	1 16	1 128	1 150	1 196
670	669	235	1 205	1 200	1 268	1 148	1 184	1 254	1 170	1 174	1 10	1 126	1 154	1 192
671	669	227	1 195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 168	1 16	1 128	1 154	1 188
678	676	223	1 201	1 200	0 278	1 156	1 200	1 252	1 174	1 174	1 10	1 124	1 150	1 208
730	684	229	1 195	1 200	0 268	1 148	1 198	1 220	1 170	1 174	1 20	1 126	1 150	1 196

	ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	1	103	1	173	1	186	1
241	1	85	1	173	1	182	1
243	1	85	1	177	1	192	1
241	1	85	1	173	1	192	1
241	1	85	1	173	1	198	1
245	1	101	1	175	1	196	1
245	1	101	1	177	1	190	1
241	1	85	1	173	1	202	1
235	1	95	1	181	1	190	0
241	1	85	1	173	1	196	1
235	1	103	1	181	1	196	1
235	1	99	1	181	1	196	1
241	1	85	0	173	1	192	1
241	1	85	0	173	0	196	1
235	1	93	1	181	1	196	1
241	1	103	1	177	1	196	1
235	1	97	1	181	1	198	1
245	1	85	1	177	1	192	1
241	1	85	0	173	0	196	1
235	1	95	1	181	1	198	0
241	0	99	1	177	1	198	1
241	0	97	1	177	1	196	1
245	1	85	0	177	1	196	1
235	0	99	1	173	0	196	1
235	1	101	1	181	1	194	1
241	1	85	1	177	1	196	1
245	1	85	1	177	1	198	1
241	1	85	1	173	1	196	1
239	1	85	1	181	1	196	1
241	1	85	1	181	1	194	1
241	1	99	1	181	1	196	0
243	1	85	1	177	0	192	1

nontransmitted Chromosomes

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
235	1 101	1 177	0 200	1 272	1 316	1 267 1
235	0 85	1 173	0 192	1 274	0 308	1 267 1
235	1 101	1 181	1 196	1 274	1 308	1 265 1
245	1 103	1 175	1 198	1 274	1 300	1 271 0
235	1 101	1 181	1 202	1 274	1 316	1 265 1
245	1 85	1 179	1 184	0 270	1 308	1 269 0
241	1 85	1 173	1 192	1 270	1 312	1 269 1
241	1 85	1 173	1 198	1 270	1 308	1 271 1
235	0 101	0 173	0 190	1 274	1 304	0 267 0
245	1 85	1	0	0 274	1 320	1 269 1
	0 103	1 173	1 182	1 274	1 312	1 271 0
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 273 1
241	1 85	1 177	1 200	1 274	1 308	1 263 1
235	1 85	1 173	1 196	1 270	0 316	1 265 1
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 300	1 265 0
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 308	1 267 0
241	1 87	1 173	1 182	0 272	1 300	1 271 1
245	1 85	0 177	1 198	1 274	1 300	1 271 0
241	0 85	0 173	0 190	0 270	0 312	1 273 1
241	1 85	1 173	1 182	1 270	1 312	1 267 0
241	1 85	1 177	1 192	1 270	1 312	1 267 0
241	1 85	1 173	0 192	1 270	1 308	1 269 1
243	1 85	1 173	0 200	1 274	1 308	0 265 0
243	1 85	1 173	1 190	0 270	0 316	1 273 1
235	0 95	1 173	0 196	1 274	1 312	1 271 1
243	1 85	1 173	0 198	1 270	1 300	1 271 1
241	1 85	1 173	0 196	1 274	1 316	1 267 1
241	1 85	1 173	1 194	1 270	1 316	1 265 1
241	1 85	1 173	1 200	1 274	1 316	1 271 1
241	1 85	1 173	1 194	1 270	1 300	1 271 1
235	1 105	1 181	1 200	1 272	1 316	1 267 1
239	0 101	1 173	1 196	1 274	1 300	1 271 1
241	1 85	1 173	0 192	1 270	0 316	1 265 1
241	1 83	1 173	1 196	1 270	0 304	1 267 0

Nontransmitted chromosomes

ca219	1105	ca209	ca202	1146	166d05	476
241	0 103	1 173	1 192	1 274	1 312	1 267
243	1 85	1 173	1 196	1 274	1 308	1 273
243	1 85	1 173	1 200	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 270	0 320	1 267
241	1 87	1 173	1 198	1 270	0 312	1 267
235	1 97	1 181	1 192	0 274	1 300	1 271
	0	0	0	0 272	1	0
235	1 81	1 173	1 182	1 278	1 320	1 261
241	1 85	0 173	0 200	1 270	1 304	1 271
241	1 85	0 173	1 196	1 270	1 304	1 271
235	1 85	0 181	1 194	1 274	1 308	1 267
239	1 85	1 173	1 194	1 272	0 316	1 271
241	1 85	1 173	1 182	1 272	0 300	1 271
241	1 105	1 173	1 192	0 274	1 312	1 267
241	1 87	1 173	1 192	0 272	1 304	1 275
	0 103	1 173	1 194	1 270	1 316	1 271
0 101	1 173	1 196	1 272	1 308	1 271	1
241	1 87	1 173	1 182	1 274	1 320	1 269
241	0 85	1 173	1 194	1 270	1 312	1 267
241	0 85	1 173	1 196	1 274	1 300	1 271
235	1 99	1 181	1 192	1 274	1 312	1 267
235	1 101	1 181	1 196	1 272	1 300	1 271
235	1 85	1 179	1 196	1 274	1 312	1 271
241	1 85	1 173	1 192	1 270	1 312	1 271
241	1 87	1 173	1 182	1 270	1 316	1 273
235	1	0 181	1 196	1 274	1 300	1 271
239	1 85	0 181	1 196	1 276	1 300	1 267
241	1 83	1 177	1 182	1 276	1 308	0 269
235	0 93	1 173	0 202	1 272	0 300	1 273
				79		

Figure 10

Figure 10: A 2D grid of numerical data. The columns are labeled with values from 1 to 200. The rows are labeled with values from 98 to 122. The data is organized into several distinct blocks, each with a different background color: white, light gray, medium gray, and dark gray. The values in the grid range from 0 to 188. The overall pattern suggests a complex, non-linear relationship between the row and column indices.

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
98	miss	193	1 200	1	0 156	1 186	1 230	1 178	1 176	1 10	1 126	1 150	1 208
98	17	193	1 216	1	0 148	1 186	1 244	1 178	1 172	1 18	1 124	1 150	1 208
99	193	1 206	1 268	1 150	1 184	1 252	1 178	1 172	1 20	1 124	1 142	1 204	1
99	195	1 200	1 268	1 154	1 184	1 220	1 170	1 170	1 10	1 128	1 150	1 188	1
101	189	1 206	1 272	1 154	1 186	1 260	1 178	1 174	1 20	1 126	1 158	1 216	1
101	203	1 200	1 268	1 150	1 186	1 244	1 170	1 160	1 14	1 122	1 150	1 188	1
102	195	1 202	1 268	1 150	1 202	1 220	1 178	1 172	1 24	1 124	1 150	1 212	1
102	205	1 200	1 268	1 162	1 186	1 248	1 178	1 160	1 22	1 132	1 150	1 188	1
104	195	1 200	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 10	1 126	1 150	1 188	1
104	203	1 216	1 268	1 156	1 186	1 244	1 186	1 174	1 14	1 126	1 150	1 192	1
105	193	1 202	1 268	1 156	1 186	1 244	1 170	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188	1
105	201	1 216	1 268	1 148	1 186	1 246	1 194	1 172	1 16	1 124	1 150	1 188	1
107	0	206	1 268	1 154	1 186	1 246	1 170	1 176	1 22	0	0 154	1 188	1
107		0 202	1 274	1 150	1 184	1 246	1 170	1 174	1 16	0	0 150	1 216	1
108	201	0 200	1 268	1 162	1 186	1 230	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 188	1
108	195	0 202	1 280	1 154	1 186	1 242	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 192	1
108	195	0 202	1 280	1 154	1 186	1 242	1 178	1 172	1 22	1 126	1 150	1 192	1
110	199	1 218	1 268	1 160	1 184	1 248	1 170	1 172	1 16	0 124	1 150	1 208	1
110	205	1 200	1 268	1 148	1 184	1 254	1 170	1 174	1 10	0 126	1 150	1 188	1
111	193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 160	1	0 124	1 150	1 188	1
111	191	1 202	1 268	1 150	1 184	1 252	1 170	1 160	1	0 128	1 150	1 188	1
114	207	1 202	1 268	1 150	1 200	1 220	1 170	1 174	0 24	1 126	1 150	1 212	1
114	195	1 200	1 278	1 154	1 186	1 252	1 178	1 172	0 18	1 124	1 150	1 192	1
113	191	1 202	1 276	1 150	1 184	1 250	1 170	1 174	0 22	1 124	1 146	1 216	1
113	207	1 216	1 268	1 150	1 186	1 244	1 170	1 172	0 16	1 124	1 150	1 192	1
116	193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	0 150	1 188	1
116	195	1 202	1 268	1 154	1 186	1 248	1 170	1 172	1 10	1 126	0 150	1 212	1
117	201	1 200	1 268	1 154	1 186	1 232	1 178	1 172	1 10	0 126	1 150	1 212	1
117	195	1 202	1 268	1 160	1 186	1 256	1 178	1 174	1 16	1 126	0 158	1 212	1
119	193	1 200	1 270	1 162	1 186	1 244	1 170	1 172	1 18	0 124	1 150	1 216	1
119	193	1 206	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	0 126	1 150	1 188	1
120	193	1 216	1 276	1 158	1 186	1 242	1 178	1 174	1 18	0 112	1 154	1 192	1
120	203	1 204	1 272	1 158	1 186	1 244	1 178	1 172	1 10	0 126	1 150	1 200	1
122	183	1 200	1 268	1 154	1 186	1 242	1 178	1 160	1 16	1 124	1 150	1 204	1
122	195	1 218	1 268	1 156	1 186	1 232	1 178	1 160	1 26	1 124	1 150	1 188	1

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203	
123	193	1 200	1 268	1 150	1 184	1 252	1 170	1 160	1 10	1 126	1 154	0 188	1	
123	195	1 216	1 268	1 154	1 184	1 232	1 170	1 160	1 20	1 112	1 150	0 192	1	
125	203	1 200	1 268	1 148	1 184	1 252	1	0 174	1 18	1 124	1	0 212	1	
125	205	1 202	1 268	1 148	1 188	1 250	1	0 172	1 16	1 124	1	0 192	1	
126	205	1 200	1 268	1 148	1 186	1 248	1 170	1 160	1 14	1 128	0 150	1 188	1	
126	195	1 204	1 268	1 150	1 186	1 246	1 178	1 172	1 22	1 126	0 150	1 208	1	
128	193	1 200	1 256	1 158	1 186	1	0 170	1 174	1 14	1 112	1 158	1 188	1	
128	191	1 200	1 268	1 160	1 184	1	0 170	1 172	1 18	1 122	1 150	1 208	1	
129	193	1 206	1 256	1 154	1 186	1 244	1 170	1 174	1 10	1 112	1 158	1 188	1	
129	195	1 216	1 268	1 150	1 184	1 250	1 170	1 172	1 14	1 126	1 150	1 192	1	
31	201	0 200	1 268	1 154	1 186	0 252	0 186	0 176	0 18	1 126	1 150	1 188	1	
31	197	0 200	1 268	1 150	1 184	0 244	0 170	0 172	0 10	1 126	1 150	1 188	1	
132	205	0 200	1 268	1 148	1 186	0 252	0 186	0 174	0 18	1 124	1 150	1 212	1	
132	203	0 200	1 268	1 158	1 184	0 248	0 170	0 172	0 18	1 124	1 158	1 208	1	
134	193	1 216	1 268	1 148	1 186	1 220	1 170	1 174	1 14	1 124	1 150	1 208	1	
134	205	1 202	1 266	1 160	1 186	1 230	1 194	1 172	1 22	1 112	1 154	1 208	1	
35	193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 160	1 18	1 124	1 154	1 208	1	
35	205	1 202	1 268	1 154	1 184	1 230	1 178	1 184	1 20	1 128	1 154	1 208	1	
38	193	1 202	1 283	1 154	1 186	1 230	1 178	1 172	0 10	1 124	1	0 216	1	
138	207	1 200	1 280	1 148	1 184	1 252	1 178	1	0 20	1 126	1	0 216	1	
37	193	1 206	1 268	1 154	1 186	1 230	1 178	1	172	0 10	1 126	1 150	1 192	1
137	201	1 216	1 270	1 148	1 184	1 256	1 186	1	0 10	1 126	1 150	1 212	1	
144		0 200	1 256	1 154	1 186	1	0	0 174	1 10	1 126	1 150	1 208	1	
144		0 206	1 268	1 154	1 186	1	0	0 176	1 22	1 124	1 150	1 188	1	
68	195	1 202	1 268	1 164	1 186	1	0	0 172	1 22	1 126	1 150	1 208	1	
68	193	1 202	1 268	1 160	1 186	1	0	0 172	1 18	1 122	1 150	1 208	1	
69	195	1 218	1 268	1 148	1 186	1 246	1	0 160	1 10	1 124	1 146	1 208	1	
69	201	1 216	1 268	1 158	1 186	1 230	1	0 172	1 20	1 124	1 150	1 204	1	
72	193	1 200	1 268	1 148	1 184	1	0 170	1 174	1 16	1 124	1 150	1 188	1	
72	193	1 206	1 256	1 156	1 186	1	0 170	1 172	1 10	1 124	1 150	1 192	1	
71	193	1 216	1 268	1 146	1 192	1 248	1 170	1 174	1 16	1 124	1 154	1 196	1	
71	193	1 206	1 256	1 156	1 186	1 232	1 170	1 174	1 10	1 126	1 150	1 212	1	
74	195	1 218	1 268	1 148	1 186	1 246	1 170	1 160	1 10	1 124	1 154	1 216	1	
74	205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 222	1 170	1 160	1 24	1 112	1 154	1 188	1	

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
75	217	1 216	1 264	1 150	1 186	1 250	1 170	1 180	1 12	1 124	1 150	1 192	1
75	205	1 204	1 268	1 154	1 186	1 244	1 170	1 172	1 16	1 124	1 146	1 192	1
78	201	1 216	1 268	1 148	1 186	1	0 174	1 172	1	0 124	1 150	1 192	0
78	201	1 202	1 268	1 162	1 186	1	0 170	1 174	1	0 126	1 150	1 188	0
77	201	1 206	1 268	1 158	1 184	1 246	1 170	1 160	1 22	1 124	1 150	1 192	0
77	195	1 202	1 268	1 152	1 186	1 232	1 178	1 174	1 20	1 122	1 146	1 188	0
80	193	1 202	0 268	1	0 186	1 250	1 178	1 160	1 10	1 124	1 150	1 208	1
80	195	1 200	0 268	1	0 186	1 244	1 178	1 172	1 28	1 124	1 150	1 208	1
81	193	1 202	0 268	1 156	1 186	1 246	1 194	1 172	1 10	1 126	1 150	1 188	1
81	193	1 200	0 268	1 148	1 184	1 258	1 186	1 174	1 10	1 124	1 150	1 208	1
84	193	1 202	1 268	1 154	1 186	1 246	1 170	1 172	1 14	1 126	1 158	1 188	1
84	207	1 202	1 268	1 164	1 186	1 244	1 170	1 178	1 10	1 124	1 150	1 188	1
83	209	1 200	1 270	1 148	1 184	1 230	1 178	1 172	1 26	1 124	1 150	1 208	1
83	207	1 200	1 268	1 158	1 186	1 248	1 170	1 174	1 10	1 112	1 146	1 192	1
86	195	1 202	1 268	1 158	1 186	1 244	1 170	1 160	1 14	1 124	1 158	1 208	1
86	205	1 202	1 278	1 148	1 184	1 260	1 170	1 172	1 20	1 120	1 150	1 188	1
87	197	1 200	1 268	1 158	1 186	1 230	1 178	1 172	1 10	1 124	1 158	1 188	1
8	193	1 200	1 268	1 154	1 190	1 242	1 170	1 172	1 16	1 126	1 154	1 188	1
90	205	1 200	1 268	1 158	1 186	1 250	1 170	1 172	1 18	1 124	1 158	1 208	1
90	193	1 200	1 268	1 154	1 186	1 246	1 186	1 172	1 10	1 124	1 150	1 188	1
89	207	1 202	1 270	1 168	1 186	1 232	1 178	0 176	1 22	1 126	1 154	1 212	1
89	193	1 202	1 268	1 154	1 190	1 252	1 170	0 172	1 16	1 126	1 150	1 188	1
92	193	1 200	1 268	1 148	1 184	0 244	1 170	0 174	1 10	1 124	1 150	1 208	1
92	193	1 202	1 256	1 154	1 186	0 230	1 178	0 172	1 10	1 124	1 154	1 188	1
93	203	1 216	1 268	1 156	1 186	0 248	1 170	1 174	1 14	1 126	1 150	1 204	1
93	205	1 200	1 268	1 148	1 184	0 230	1 178	1 174	1 10	1 126	1 150	1 188	1
95	197	1 216	1 268	1 158	1 186	1 252	1 178	1 174	1 20	1 126	1 150	1 192	0
95	205	1 202	1 268	1 150	1 184	1 230	1 178	1 160	1 10	1 126	1 150	1 188	0
96	209	1 200	1 278	1 162	1 186	1 256	1 170	1 160	1 14	1 128	1 150	1 192	0
96	205	1 200	1 268	1 148	1 186	1 230	1 178	1 160	1 14	1 128	1 150	1 188	0
140	0	0	0 270	1	0	0 244	1	0	0 10	1	0 150	1 188	1
140	0	0	0 278	1	0	0 254	1 186	1	0 10	1	0 158	0 216	1
141	201	0 200	1 272	1	0	0 244	1 170	1 172	1 10	1	0	0 212	1
141	193	0 200	1 270	1	0	0 254	1 170	1 160	1 10	1	0	0 212	1

Genotype Analysis of 1000 Genomes Project Controls

cont	sava5	ca211	ca212	1140	59	ca231	ta201	at201	ca225	w3442	ca213	ga201	ga203
143	193	1 200	1 278	1 148	1 184	1 252	1 170	1 184	1 18	1 124	1 150	0 192	1
143	195	1 200	1 268	1 158	1 186	1 248	1	178	1 18	1 124	1 146	0 188	1

ca219	1105	183CA20	SC	KID
241	1 missing	173	1	100
241	1	177	1	100
235	1	173	1	100
245	1	175	1	100
235	1	173	1	103
235	1	181	1	103
241	1	173	1	103
241	1	173	1	103
235	1	181	1	106
241	1	173	1	106
241	1	173	1	106
241	1	173	1	106
241	1	173	1	109
241	1	173	1	109
241	1	173	1	109
245	1	175	1	109
235	1		0	112
235	1		0	112
243	1	181	0	112
235	1	173	0	112
241	1	173	1	115
241	1	173	1	115
241	1	173	1	115
241	1	173	1	115
241	1	173	1	115
241	1	173	1	115
241	1	173	1	115
241	1	173	1	118
241	1	173	1	118
241	1	177	1	118
241	1	173	1	121
241	1	173	1	121
235	1	181	1	121
0	0	173	1	124
0	0	173	1	124

ca219	1105	186CA20	SC	KID
241	1	173	1	124
241	1	177	1	124
241	1	173	1	127
241	1	173	1	127
243	1	173	1	127
239	1	173	1	127
235	1	181	1	130
235	1	181	1	130
241	1	173	1	130
241	1	173	1	130
243	0	181	0	133
235	0	173	0	133
245	0	181	0	133
235	0	173	0	133
243	1	173	1	136
235	1	181	1	136
241	1	173	1	136
241	1	173	1	136
241	1	173	0	139
243	1		0	139
235	1	181	0	139
241	1	177	0	139
241	1	173	1	145
241	1	173	1	145
241	1	173	1	70
245	1	177	1	70
241	1	173	1	73
243	1	175	1	70
243	1	173	1	73
241	1	173	1	73
235	1	181	1	73
241	1	173	1	76
241	1	181	1	76

ca219	1105	18SCA20	SC	KID
241	1	175	1	76
235	1	177	1	76
241	1	173	1	79
241	1	177	1	79
241	1	173	1	79
241	1	181	1	79
241	1		0	82
241	1		0	82
241	1	173	1	82
241	1	173	1	82
241	1	173	1	85
241	1	173	1	85
241	1	173	1	85
241	1	173	1	85
241	1	173	1	85
241	1	173	1	85
0		173	1	88
0		173	1	88
235	1	173	1	88
235	1	181	1	88
245	1	173	1	91
241	1	173	1	91
241	1	181	1	91
241	1	173	1	91
241	1	173	1	94
241	1	173	1	94
241	1	177	1	94
235	1	181	1	94
241	1	173	1	97
245	1	173	1	97
221	1	173	1	97
241	1	173	1	97
0			0	142
0			0	142
241	1	173	1	142
241	1	173	1	142

ca219 1105 18SCA20 SC KID
241 1 177 1 145
235 1 181 1 145

Controls

AHR RESULTS IN DISEASE CHROMOSOMES

	SAV45	CA211	CA212	18S1140	18S59	TA201	CA231	AT201	CA225	W344
SAV45	0.04 2%				0.07 4%					
CA211	2-3									
CA212										
18S1140				0.70 12%						
18S59	2-6		2-4		2.11 10%					
TA201				4-3						
CA231		2-2	4-2		2-4					
AT201				4-2	3-2					
CA225		2-3	4-3		3-3	2-3	1-1			
W3442				4-1	3-1	2-1	2-1			